/ 674462

FIG. 1

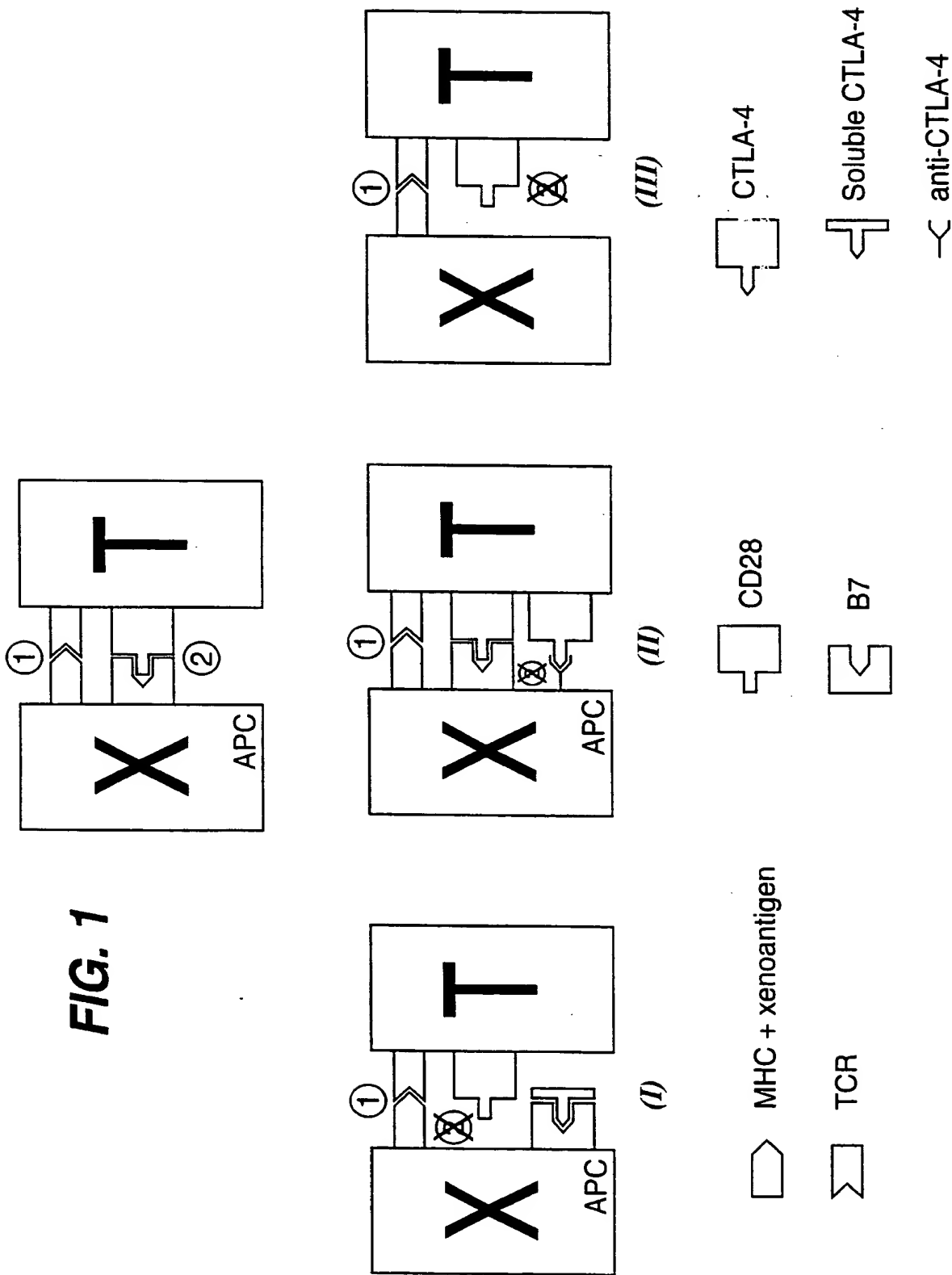# FIG. 2

```
          -30        -20        -10          1         11         21
MACSGFRSHG AWLELTSRTW PCTALFSLLF IPVFSKGMHV AQPAVVLANS RGVASFVCEY
•••L•••••• •Q•N•AA••• •••L•F•••• •••C•A•••• •••••••S•• ••I•••••••
•••••••••• T•W--••••• •••••F•V•• ••••••••N• T•••P•••S• ••••••S•••
                                   *

           31         41         51         61         71         81
GSAGKAAEVR VTVLRRAGSQ MTEVCAATYT VEDELTFLDD STCTGTSTEN KVNLTIQGLR
A•P••T•••• •••••Q•D•• V••••••••M MGN••••••• •I•••SG••• •••Q•
E•S•••D••• ••••••E••• V•••••G••M MGN••••••• ••I•••RG••

           91        101        111        121        131        141
AVDTGLYICK VELLYPPPYY VGMGNGTQIY VIDPEPCPDS DFLLWILAAV SSGLFFYSFL
•M•••••••• •••MYPPPYY L•I••A••• •I••••••
•M••••V••• •••MYPPPYY ••I•••••••                          *

          151        161        171        181
ITAVSLSKML KKRSPLTTGV YVKMPPTEPE CEKQFQPYFI PIN
L••••••••• •••••••••• •••••••••• ••••••     ••
•••••••••• •••••••••• •••••••••• ••••••     ••
     *
```

SEQ ID:1 (pCTLA4)
Human CTLA4
Cattle CTLA4

FIG. 3

```
361              371              381              391              401              411
GCCGTGGACA       CTGGGCTCTA       CATCTGCAAG       GTGGAGCTCC       TGTACCCACC       ACCCTACTAT
•••••••••        •G••A•••••       •••••••••        •••••••••A       •••••••••        G••A•••••C
•••A•••••        •••A•••••        TG•••••••A       •••••••••A       •••••••G••       G•••••••C

421              431              441              451              461              471
GTGGGTATGG       GCAACGGGAC       CCAGATTTAT       GTCATTGATC       CAGAACCATG       CCCAGATTCT
C•••C••A•        •••••••AG•       •••••••••        ••A•••••••       ••••••G•••       •••••••••
••••C••C••       ••••T••A••       •••••••••C       •••••••••        •••G•••••        •••G•••••

481              491              501              511              521              531
GATTCCCTGC       TCTGGATCCT       GGCAGCAGTT       AGTTCAGGGT       TGTTTTTTTA       CAGCTTCCTC
••C•••••C•       •••••••••        T•••••••••       •••••G••••       •••••••••        T•••T•••
••••T••C••       •••••••••        •••••••••        •••••C••••       •••••••••        •••••••••

541              551              561              571              581              591
ATCACAGCTG       TTTCTTTGAG       CAAAATGCTA       AAGAAAAGAA       GTCCTCTTAC       TACAGGGGTC
C••••••••        •••••••••        •••••••••        •••••••••        •C•••••••        A••••••••
•••••••••        •••••••••        •••••••••        •••••••••        •C•••••••        •••••••••

601              611              621              631              641              651
TATGTGAAAA       TGCCCCCGAC       AGAGCCAGAA       TGTGAAAAGC       AATTTCAGCC       TTATTTTATT
•••••••••        •••••A•••        •••••••••        •••••••••        •••••••••        •••••••••
•••••••••        •••••A•••        •••••••••        •••••••••        •••••••••        •••••••••

661              671
CCCATCAATT       GA
•••••••••        ••
•••••••••        ••
```

SEQ ID: 2 (pCTLA4)
Human CTLA4
Cattle CTLA4

FIG. 3 (CONTD.)

FIG. 4

```
      -30        -20        -10          1         11         21
MACSGFRSHG AWLELTSRTW PCTALFSLLF IPVFSKGMHV AQPAVVLANS RGVASFVCEY

       31         41         51         61         71         81
GSAGKAAEVR VTVLRRAGSQ MTEVCAATYT VEDELTFLDD STCTGTSTEN KVNLTIQGLR

       91        101        111        121        131        141
AVDTGLYICK VELLYPPPYY VGMGNGTQIY VIDPEPCPDS DGGSGGAAEP KSCDKTHTCP

      151        161        171        181        191        201
PCPAPELLGG PSVFLFPPKP KDTLMISRTP EVTCVVVDVS HEDPEVKFNW YVDGVEVHNA

      211        221        231        241        251        261
KTKPREEQYN STYRVVSVLT VLHQDWLNGK EYKCKVSNKA LPAPIEKTIS KAKGQPREPQ

      271        281        291        301        311        321
VYTLPPSRDE LTKNQVSLTC LVKGFYPSDI AVEWESNGQP ENNYKTTPPV LDSDGSFFLY

      331        341        351        361
SKLTVDKSRW QQGNVFSCSV MHEALHNHYT QKSLSLSPGK
```
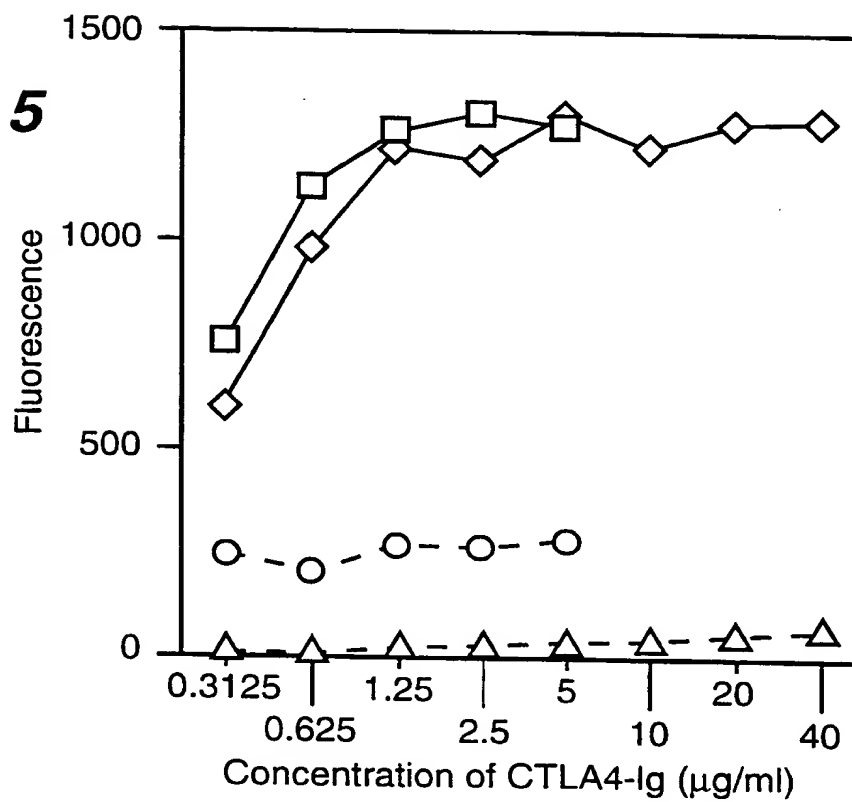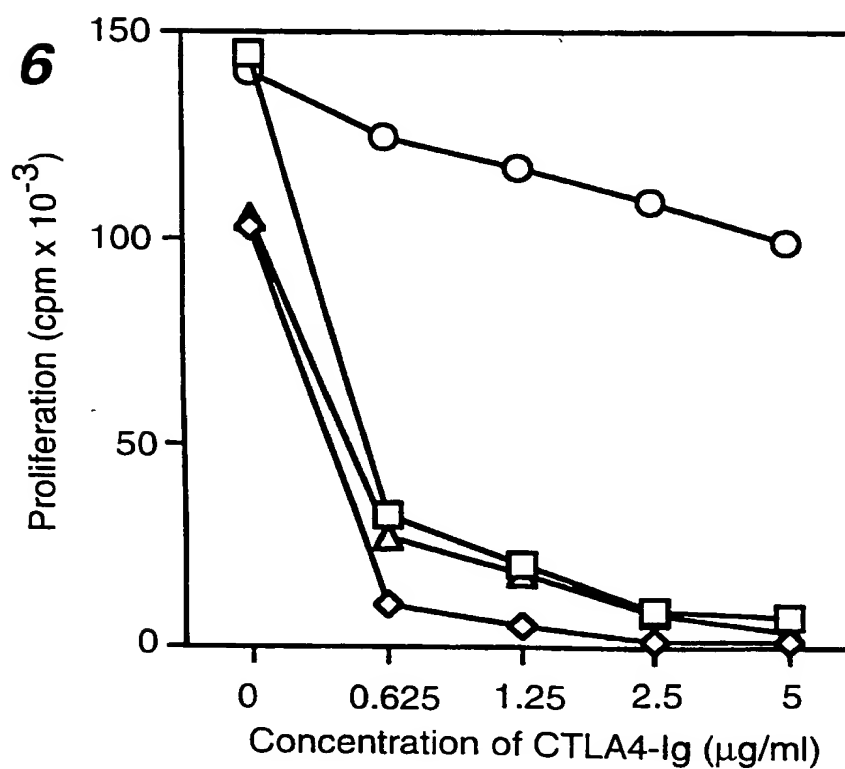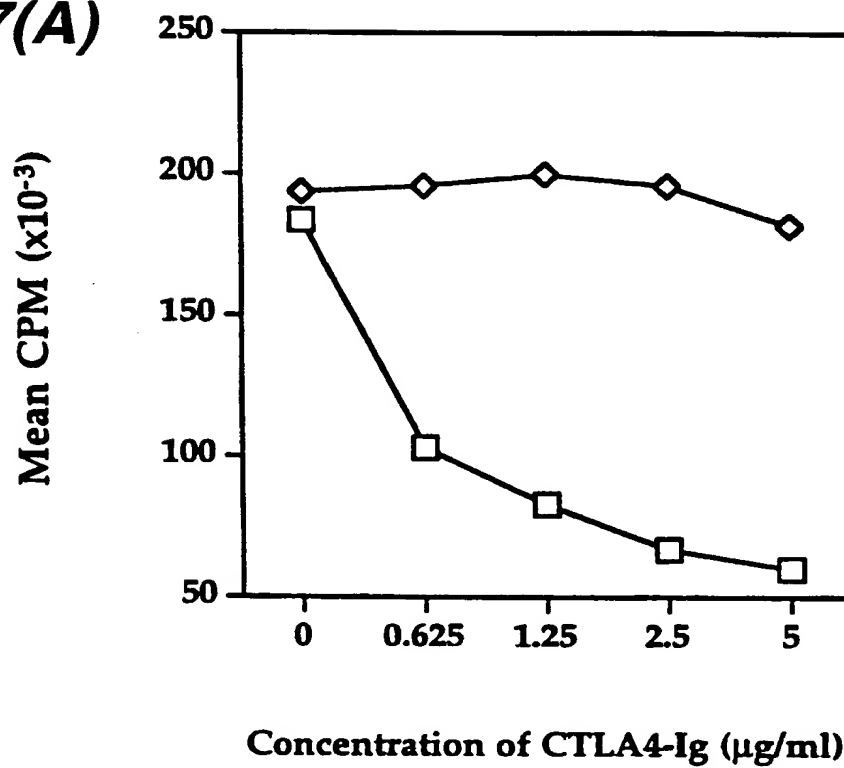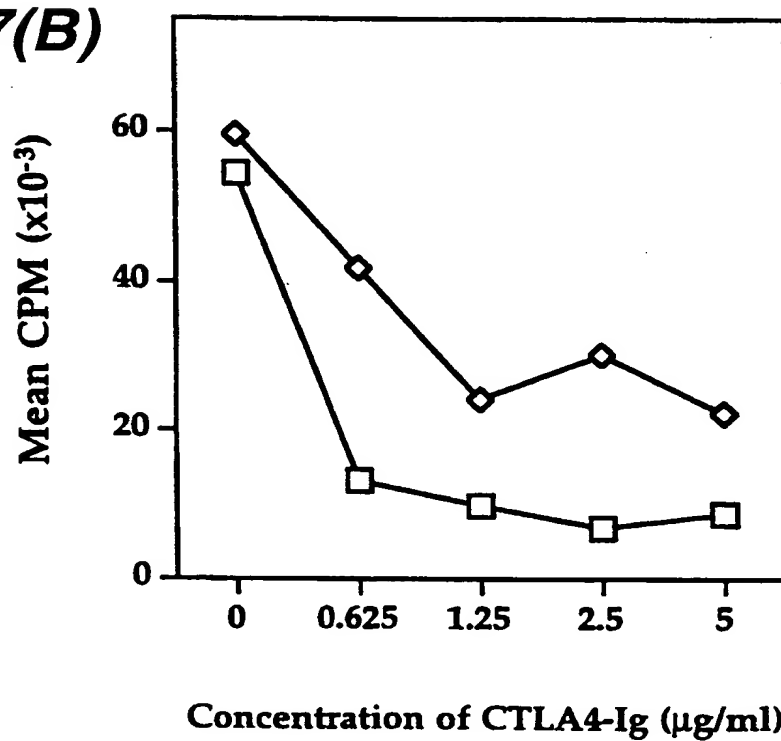
FIG. 5

FIG. 6

FIG. 7(A)

Concentration of CTLA4-Ig (µg/ml)

FIG. 7(B)

Concentration of CTLA4-Ig (µg/ml)

FIG. 8

```
1..........  11..........  21..........  31..........  41..........  51..........  61..........  71..........
CCGAGGTGCA   GCTGGGTGGAG   TCTGGGGGAG   GCTTGGTACA   GCCTGGGGGG   TCCCTGAGAC   TCTCCTGTGC   AGCCTCTGGA

81..........  91..........  101.........  111.........  121.........  131.........  141.........  151.........
TTCACCTTTA   GCAGCTATGC   CATGAGCTGG   GTCCGCCAGG   CTCCAGGGAA   GGGGCTGGAG   TGGGTCTCAG   CTATTAGTGG

161.......  171.......  181.......  191.......  201.......  211.......  221.......  231.......
TAGTGGTGGT   AGCACATACT   ACGCAGACTC   CGTGAAGGGC   CGGTTCACCA   TCTCCAGAGA   CAATTCCAAG   AACACGCTGT

241.......  251.......  261.......  271.......  281.......  291.......  301.......  311.......
ATCTGCAAAT   GAACAGCCTG   AGAGCCGAGG   ACACGGCCGT   GTATTACTGT   GCAAGAGCTG   GTCGTATTTT   GTTTGACTAT

321.......  331.......  341.......  351.......  361.......  371.......  381.......  391.......
TGGGGCCAAG   GTACCCTGGT   CACCGTCTCG   AGTGGTGGAG   GCGGTTCAGG   CGGAGGTGGC   TCTGGCGGTA   GTGCACTTCA

401.......  411.......  421.......  431.......  441.......  451.......  461.......  471.......
GTCTGTGCTG   ACTCAGCCAC   CCTCAGCGTC   TGGGACCCCC   GGGCAGAGGG   TCACCATCTC   TTGTTCTGGA   AGCAGCTCCA

481.......  491.......  501.......  511.......  521.......  531.......  541.......  551.......
ACATCGGAAG   TAATTATGTA   TACTGGTACC   AGCAGCTCCC   AGGAACGGCC   CCCAAACTCC   TCATCTATAG   GAATAATCAG

561.......  571.......  581.......  591.......  601.......  611.......  621.......  631.......
CGGCCCTCAG   GGGTCCCCTGA   GGCTCCAAGT   CTGGCACCTC   AGCCTCCCTG   GCCATCAGTG   GGCTCCGGTC

641.......  651.......  661.......  671.......  681.......  691.......  701.......  711.......
CGAGGATGAG   GCTGATTATT   ACTGTGCAGC   ATGGGATGAC   AGCCTGGTAT   TCGGCGGAGG   GACCAAGCTG   ACCGTCCTAG

721
GT
```

FIG. 9

```
1.........  11.........  21.........  31.........  41.........  51.........  61.........  71.........
EVQLVESGGG  LVQPGGSLRL  SCAASGFTFS  SYAMSWVRQA  PGKGLEWVSA  ISGSGGSTYY  ADSVKGRFTI  SRDNSKNTLY

81.........  91.........  101.........  111.........  121.........  131.........  141.........  151.........
LQMNSLRAED  TAVYYCARAG  RILFDYWGQG  TLVTVSSGGG  GSGGGGSGGS  ALQSVLTQPP  SASGTPGQRV  TISCSGSSSN
                                           LINKER

161.........  171.........  181.........  191.........  201.........  211.........  221.........  231.........
IGSNYVYWYQ  QLPGTAPKLL  IYRNNQRPSG  VPDRFSGSKS  GTSASLAISG  LRSEDEADYY  CAAWDDSLVF  GGGTKLTVLG
```


FIG. 13

FIG. 10

```
              10        20        30        40        50        60
              |         |         |         |         |         |
M1  sFv   CATGG-CCGAGGTGCAGCTGGTGGAGTCTGGGGGAGGCTTGGTACAGCCTGGGGGGTCCCTGAG
M3  sFv   CATGG-CCCAGGTGCAGCTGCAGGAGTCGGGCCCAGGACTGGTGAAGCCTTCGGAGACCCTGTC
M19 sFv   CATGG-CCCAGGTGCAGCTGGTGCAGTCTGGGGCTGAGGTGAAGAGGCCTGGGGCCTCAGTGAA
M24 sFv   CATGGCCCAGGTGCAGCTGTTGCAGTCTGCAGCAGAGGTGAAAAAGCCCGGGGAGTCTCTGAA


              70        80        90        100       110       120
              |         |         |         |         |         |
M1  sFv   ACTCTCCTGTGCAGCCTCTGGATTCACCTTTAGCAGC--TA--TGCCAT--GAGCTGGGTCCGC
M3  sFv   CCTCACCTGCACTGTCTCTGGTGGCTCCGTCAGCAGTGGTAGTTACTACTGGAGCTGGATCCGG
M19 sFv   GGTTTCCTGCAAGGCATCTGGATACACCTTCACCAGC------TACTATATGCACTGGGTGCGA
M24 sFv   GATCTCCTGTAAGGGTTCTGGATACAGCTTTACCAGC------TACTGGATCGGCTGGGTGCGC


              130       140       150       160       170       180       190
              |         |         |         |         |         |         |
M1  sFv   CAGGCTCCAGGGAAGGGGCTGGAGTGGGTCTCAGCTATTAGTGGTAGTGGTGGTAGCACATACT
M3  sFv   CAGCCCCCAGGGAAGGGACTGGAGTGGATT--GGGTAT-ATCTATTACAGTGGGAGCACCAACT
M19 sFv   CAGGCCCCTGGACAAGGGCTTGAGTGGATGGGAATAATCAACCCTAGTGGTGGTAGCACAAGCT
M24 sFv   CAGATGCCCGGGAAAGGCCTGGAGTGGATGGGGATCATCTATCCTGGTGACTCTGATACCAGAT


              200       210       220       230       240       250
              |         |         |         |         |         |
M1  sFv   ACGCAGACTCCGTGAAGGGCCGGTTCACCATCTCCAGAGACAATTCCAAGAACACGCTGTATCT
M3  sFv   ACAACCCCTCCCTCAAGAGTCGAGTCACCATATCAGTAGACACGTCCAAGAACCAGTTCTCCCT
M19 sFv   ACGCACAGAAGTTCCAGGGCAGAGTCACCATGACCAGGGACACGTCCACGAGCACAGTCTACAT
M24 sFv   ACAGCCCGTCCTTCCAAGGCCAGGTCACCATCTCAGCCGACAAGTCCATCAGCACCGCCTACCT


              260       270       280       290       300       310       320
              |         |         |         |         |         |         |
M1  sFv   GCAAATGAACAGCCTGAGAGCCGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCAAGAGCTG------GT
M3  sFv   GAAGCTGAGCTCTGTGACCGCTGCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCAAGAATGC------GG
M19 sFv   GGAGCTGAGCAGCCTGAGATCTGAGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCAAGAGTGGCTCCCTAT
M24 sFv   GCAGTGGAGCAGCCTGAAGGCCTCGGACACGGCCGTGTATTACTGTGCAAGATT--TTCGCT-T


              330       340       350       360       370       380
              |         |         |         |         |         |
M1  sFv   CGTATTTTGTTTGACTATTGGGGCCAAGGTACCCTGGTCACCGTCTCGAGTGGTGGAGGCGGTT
M3  sFv   AAGGATAAGTTTGACTATTGGGGCCAAGGTACCCTGGTCACCGTCTCGAGTGGTGGAGGCGGTT
M19 sFv   GTGAATACGCTTGTTTTTTGGGGCCAAGGTACCCTGGTCACCGTCTCGAGTGGTGGAGGCGGTT
M24 sFv   GGTGGT---TTTGACTATTGGGGCCAAGGTACCCTGGTCACCGTCTCGAGTGGTGGAGGCGGTT
```
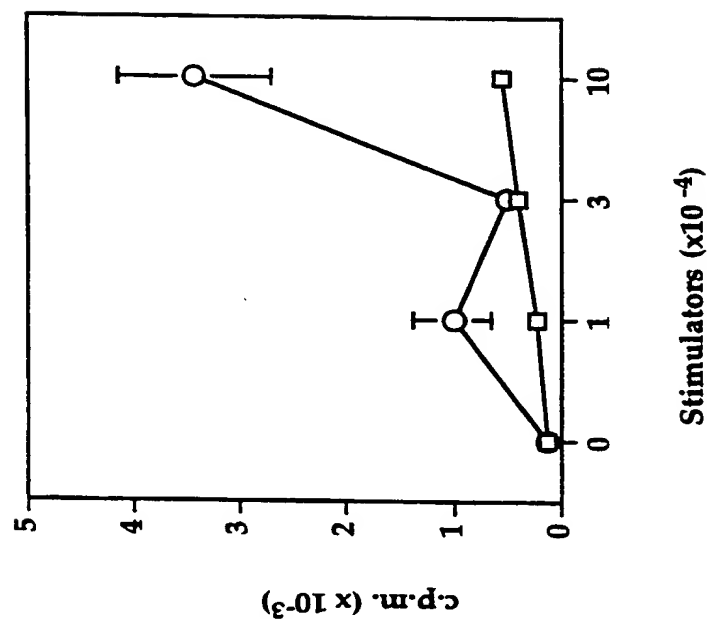
```
                    390        400        410        420        430        440
                     |          |          |          |          |          |
M1  sFv    CAGGCGGAGGTGGCTCTGGCGGTAGTGCACTTCAGTCTGTGCTGACTCAG---CCACCCTCAGC
M3  sFv    CAGGCGGAGGTGGCTCTGGCGGTAGTGCACTTCAGTCTGTGCTGACTCAG---CCACCCTCAGC
M19 sFv    CAGGCGGAGGTGGCTCTGGCGGTAGTGCACTTTCTTCTGAGCTGACTCAG---CCACCCTCAGC
M24 sFv    CAGGCGGAGGTGGCTCTGGCGGTAGTGCACTTGACATCCAGTTGACCCAGTCTCCATCCTTCCT

                    450        460        470        480        490        500        510
                     |          |          |          |          |          |          |
M1  sFv    GTCTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCACCATCTCTCTTGTTCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGT
M3  sFv    GTCTGGGACCCCCGGGCAGAGGGTCACCATCTCTCTTGTTCTGGAAGCAGCTCCAACATCGGAAGT
M19 sFv    GTCTGTGGCCTTGGGACAGACAGTCAGGATCACATGCCAAGGAGACAGCCTCA------GAAGC
M24 sFv    GTCTGCATCTGTAGGAGACAGAGTCACCATCACTTGCC---GGGCCAGTCAGGGCATT---AGC

                    520        530        540        550        560        570
                     |          |          |          |          |          |
M1  sFv    AATTATGTATACTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAACGGCCCCCAAACTCCTCATCTATAGGAATA
M3  sFv    AATTATGTATACTGGTACCAGCAGCTCCCAGGAACGGCCCCCAAACTCCTCATCTATAGGAATA
M19 sFv    TATTATGCAAGCTGGTACCAGCAGAAGCCAGGACAGGCCCCTGTACTTGTCATCTATGGTAAAA
M24 sFv    AGTTATTTAGCCTGGTATCAGCAAAAACCAGGGAAAGCCCCTAAGCTCCTGGTCTATGCTGCAT

                    580        590        600        610        620        630        640
                     |          |          |          |          |          |          |
M1  sFv    ATCAGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCT
M3  sFv    ATCAGCGGCCCTCAGGGGTCCCTGACCGATTCTCTGGCTCCAAGTCTGGCACCTCAGCCTCCCT
M19 sFv    ACAACCGGCCCTCAGGGATCCCAGACCGATTCTCTGGCTCCAGCTCAGGAAACACAGCTTCCTT
M24 sFv    CCACTTTGCAAAGTGGGGTCCCATCAAGGTTCAGCGGCAGTGGATCTGGGACAGAATTCACTCT

                    650        660        670        680        690        700
                     |          |          |          |          |          |
M1  sFv    GGCCATCAGTGGGCTCCGGTCCGAGGATGAGGCTGATTATTACTGTGCAGCATGGGATGACAGC
M3  sFv    GGCCATCAGTGGGCTCCGGTCCGAGGATGAGGCTGATTATTACTGTGCAGCATGGGATGACAGC
M19 sFv    GACCATCACTGGGGCTCAGGCGGAAGATGAGGCTGACTATTACTGTAACTCCCGGGACAGCAGT
M24 sFv    CACAATCAGCAGCCTGCAGCCTGAAGATTTTGCAACTTATTACTGTCA---ACAGCTTAATAGT

                    710        720        730        740        750
                     |          |          |          |          |
M1  sFv    --CTG----GTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTAGGTGC
M3  sFv    --CTGT-TTGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTAGGTGCGGCCGC
M19 sFv    GGTTTTACTGTATTCGGCGGAGGGACCAAGCTGACCGTCCTAGGTGC
M24 sFv    TACCGCTTGACGTTCGGCCAAGGGACCAAGCTGGAAATC--AAACGTG----C
```

FIG. 10 *(CONTD.)*

FIG. 11

```
              10        20        30        40        50        60
              |         |         |         |         |         |
           |...  |.|| | |.| || ||.  ..   |  ..   .|.. ..|....|| .  ||
M1 sFv Peptide  --EVQLVESGGGLVQPGGSLRLSCAASG--FTFSSYAMSWVRQAPGKGLEWVSAISGSGG
M3 sFv Peptide  MAQVQLQESGPGLVKPSETLSLTCTVSGGSVSSGSYYWSWIRQPPGKGLEWIGYIY-YSG
M19 sFv Peptide --QVQLVQSGAEVKRPGASVKVSCKASG--YTFTSYYMHWVRQAPGQGLEWMGIINPSGG
M24 sFv peptide --QVQLLQSAAEVKKPGESLKISCKGSG--YSFTSYWIGWVRQMPGKGLEWMGIIYPGDS
```

```
              70        80        90       100       110       120
              |         |         |         |         |         |
           ..    |||.||..  ||.|.|  .........   |.|.........
M1 sFv Peptide  STYYADSVKGRFTISRDNSKNTLYLQMNSLRAEDTAVYYCARAGR--ILFDYWGQGTLVT
M3 sFv Peptide  SINYNPSLKSRVTISVDTSKNQFSLKLSSVTAADTAVYYCARMRK--DKFDYWGQGTLVT
M19 sFv Peptide STSYAQKFQGRVTMTRDTSTSTVYMELSSLRSEDTAVYYCARVAPYVNTLVFWGQGTLVT
M24 sFv peptide DIRYSPSFQGQVTISADKSISTAYLQWSSLKASDTAVYYCARFS--LGGFDYWGQGTLVT
```

```
             130       140       150       160       170       180
              |         |         |         |         |         |
           ..................   ....  .|  .  |  .|.  .|.  |      ..  ..... .
M1 sFv Peptide  VSSGGGGSGGGGSGGSALQSVLTQPPS-ASGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNYVYWYQQLP
M3 sFv Peptide  VSSGGGGSGGGGSGGSALQSVLTQPPS-ASGTPGQRVTISCSGSSSNIGSNYVYWYQQLP
M19 sFv Peptide VSSGGGGSGGGGSGGSALSSELTQDPA-VSVALGQTVRITCQGDS--LRSYYASWYQQKP
M24 sFv peptide VSSGGGGSGGGGSGGSALDIQLTQSPSFLSASVGDRVTITCRASQG--ISSYLAWYQQKP
```

```
             190       200       210       220       230       240
              |         |         |         |         |         |
           . .. .||.  |    ..|. ..... ..   |.|.|| ||.. . ...   |      ..
M1 sFv Peptide  GTAPKLLIYRNNQRPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLRSEDEADYYCAAWDDSL--VFG
M3 sFv Peptide  GTAPKLLIYRNNQRPSGVPDRFSGSKSGTSASLAISGLRSEDEADYYCAAWDDSLF-VFG
M19 sFv Peptide GQAPVLVIYGKNNRPSGIPDRFSGSSSGNTASLTTTGAQAEDEADYYCNSRDSSGFTVFG
M24 sFv peptide GKAPKLLVYAASTLQSGVPSRFSGSGSGTEFTLTISSLQPEDFATYYCQQLNSYRLT-FG
```

```
           ....  |
M1 sFv Peptide  GGTKLTVLG
M3 sFv Peptide  GGTKLTVLGAA
M19 sFv Peptide GGTKLTVLG
M24 sFv peptide QGTKLEI--KR
```

FIG. 12

EcoR1 Nco1   Apa1 Nco1 Nco1 Not 1 Sal1 Pst1

signal HA   sFv   cMyc x 2   IgG1 constant domain

Not 1

FIG. 14

EcoR1 Nco1   Apa1 Nco1 Not 1 Sal1

signal HA   sFv   cMycx1   hCD8 transmembrane/intracytoplasmic domains
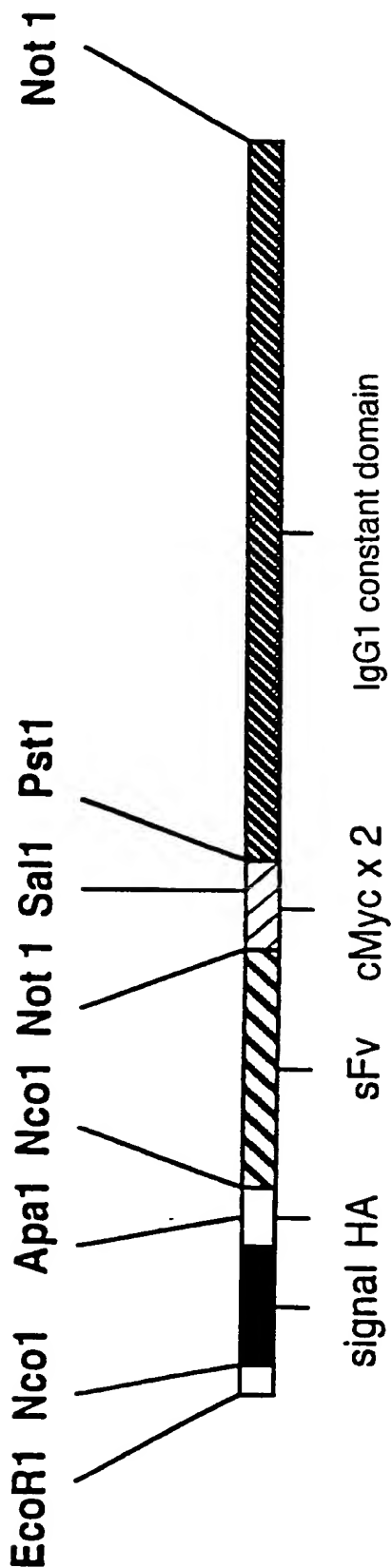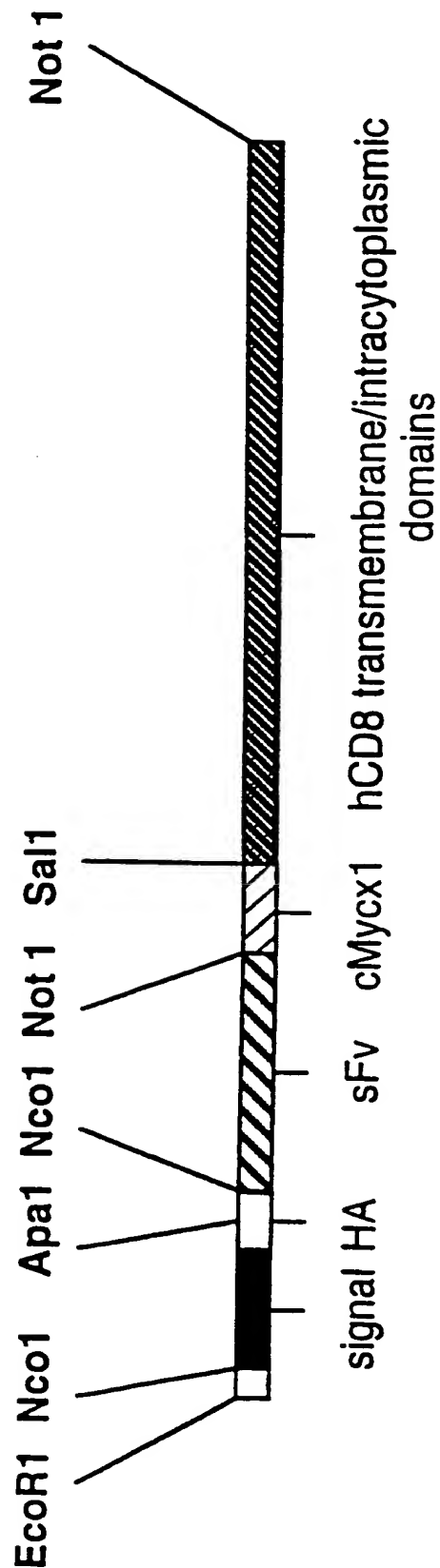
Not 1

14/18

FIG. 15(A)

```
-65  AGCTTCAGGA  TCCTGAAAGG  TTTTGCTCTA  CTTCCTGAAG  ACCTGAACAC
-15  CGCTCCCATA  AAGCCATGGC  TTGCCTTGGA  TTTCAGCGGC  ACAAGGCTCA
 36  GCTGAACCTG  GCTACCAGGA  CCTGGCCCTG  CACTCTCCTG  TTTTTTCTTC
 86  TCTTCATCCC  TGTCTTCTGC  AAAGCAATGC  ACGTGGCCCA  GCCTGCTGTG
136  GTACTGGCCA  GCAGCCGAGG  CATCGCCAGC  TTTGTGTGT  AGTATGCATC
186  TCCAGGCAAA  GCCACTGAGG  TCCGGGTGAC  AGTGCTTCGG  CAGGCTGACA
236  GCCAGGTGAC  TGAAGTCTGT  GCGGCAACCT  ACATGATGGG  GAATGAGTTG
286  ACCTTCCTAG  ATGATTCCAT  CTGCACGGGC  ACCTCCAGTG  GAAATCAAGT
336  GAACCTCACT  ATCCAAGGAC  TGAGGGCCAT  GGACACGGGA  CTCTACATCT
386  GCAAGGTGGA  GCTCATGTAC  CCACCGCCAT  ACTACCTGGG  CATAGGCAAC
436  GGAACCCAGA  TTTATGTAAT  TGATCCAGAA  CCGTGCCCAG  ATTCTGACTT
486  CCTCCTCTGG  ATCCTTGCAG  CAGTTAGTTC  GGGGTTGTTT  TTTTATAGCT
536  TTCTCCTCAC  AGCTGTTTCT  TTGAGCAAAA  TGCTAAAGAA  AAGAAGCCCT
586  CTTACAACAG  GGGTCTATGT  GAAAATGCCC  CCAACAGAGC  CAGAATGTGA
636  AAAGCAATTT  CAGCCTTATT  TTATTCCCAT  CAATTGAGAA  TT
```

FIG. 15(B)

```
            -30         -20         -10           1          11          21
      MACLGFQRHK  AQLNLATRTW  PCTLLFFLLF  IPVFCKAMHV  AQPAVVLASS  RGIASFVCEY
                                                          *

             31          41          51          61          71          81
      ASPGKATEVR  VTVLRQADSQ  VTEVCAATYM  MGNELTFLDD  SICTGTSSGN  QVNLTIQGLR

             91         101         111         121         131         141
      AMDTGLYICK  VELMYPPPYY  LGIGNGTQIY  VIDPEPCPDS  DFLLWILAAV  SSGLFFYSFL
                                                                  *

            151         161         171         181
      LTAVSLSKML  KKRSPLTTGV  YVKMPPTEPE  CEKQFQPYFI  PIN
             *
```
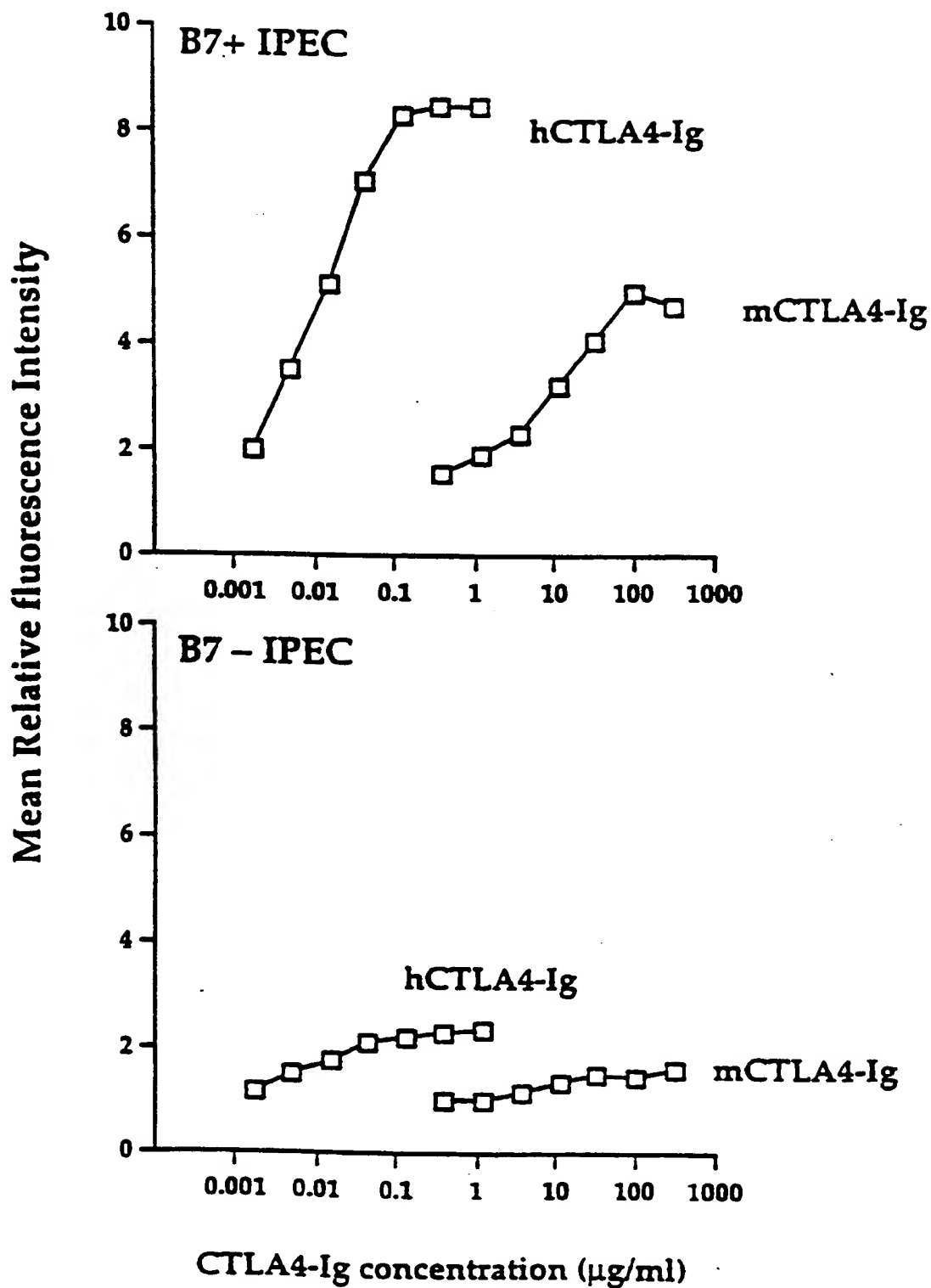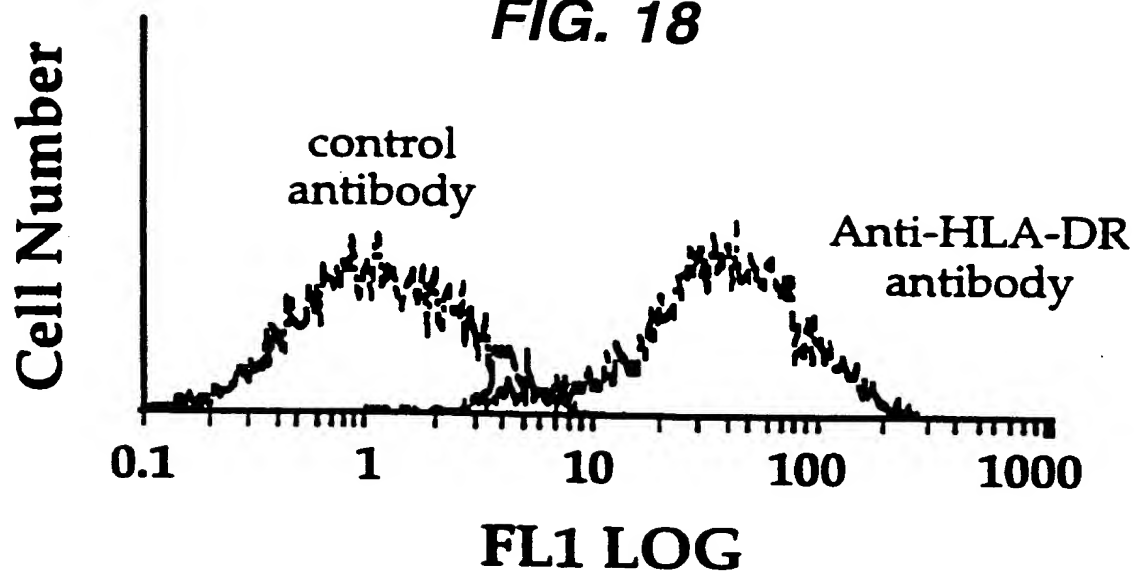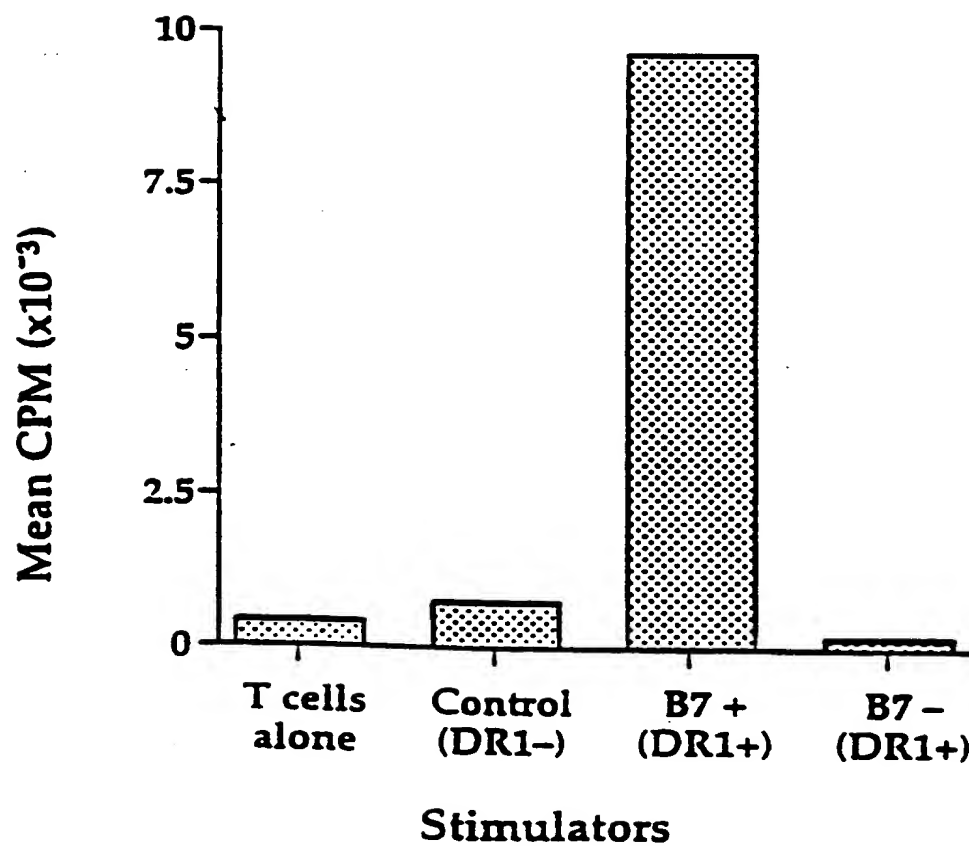
FIG. 16

```
 -36  AAGCTTCGAG  CCAAGCAGCG  TCCTGGGGAG  CGCGTCATGG  CCTTACCAGT

  15  GACCGCCTTG  CTCCTGCCGC  TGGCCTTGCT  GCTCCACGCC  GCCAGGCCGA

  65  GCCAGTTCCG  GGTGTCGCCG  CTGGATCGGA  CCTGGAACCT  GGGCGAGACA

 115  GTGGAGCTGA  AGTGCCAGGT  GCTGCTGTCC  AACCCGACGT  CGGGCTGCTC

 165  GTGGCTCTTC  CAGCCGCGCG  GCGCCGCCGC  CAGTCCCACC  TTCCTCCTAT

 215  ACCTCTCCCA  AAACAATCCC  AAGGCGGCCA  AGGGGCTGGA  CACCCAGCGG

 265  TTCTCGGGCA  AGAGGTTGGG  GGACACCTTC  GTCCTCACCC  TGAGCGACTT

 315  CCGCCGAGAG  AACGAGGGCT  ACTATTTCTG  CTCGGCCCTG  AGCAACTCCA

 365  TCATGTACTT  CAGCCACTTC  GTGCCGGTCT  TCCTGCCAGC  GAAGCCCACC

 415  ACGACGCCAG  CGCCGCGACC  ACTAACACCG  GCGCCCACCA  TCGCGTCGCA

 465  GCCCCTGTCC  CTGCGCCCAG  AGGCGTGCCG  GCCAGCGGCG  GGGGGCGCAG

 515  TGCACACGAG  GGGGCTGGAC  TTCGCCTGTG  ATATCTACAT  CTGGGCGCCC

 565  CTGGCCGGGA  CTTGTGGGGT  CCTTCTCCTG  TCACTGGTTA  TCACCCTTTA

 615  CTGCAACCAC  AGGAACCGAA  GACGTGTTTG  CAAATGTCCC  CGGCCTGTGG

 665  TCAAATCGGG  AGACAAGCCC  AGCCTTTCGG  CGAGATACGT  CTAACCCTGT

 715  GCAACAGCCA  CTACATGAAT  TCC
```
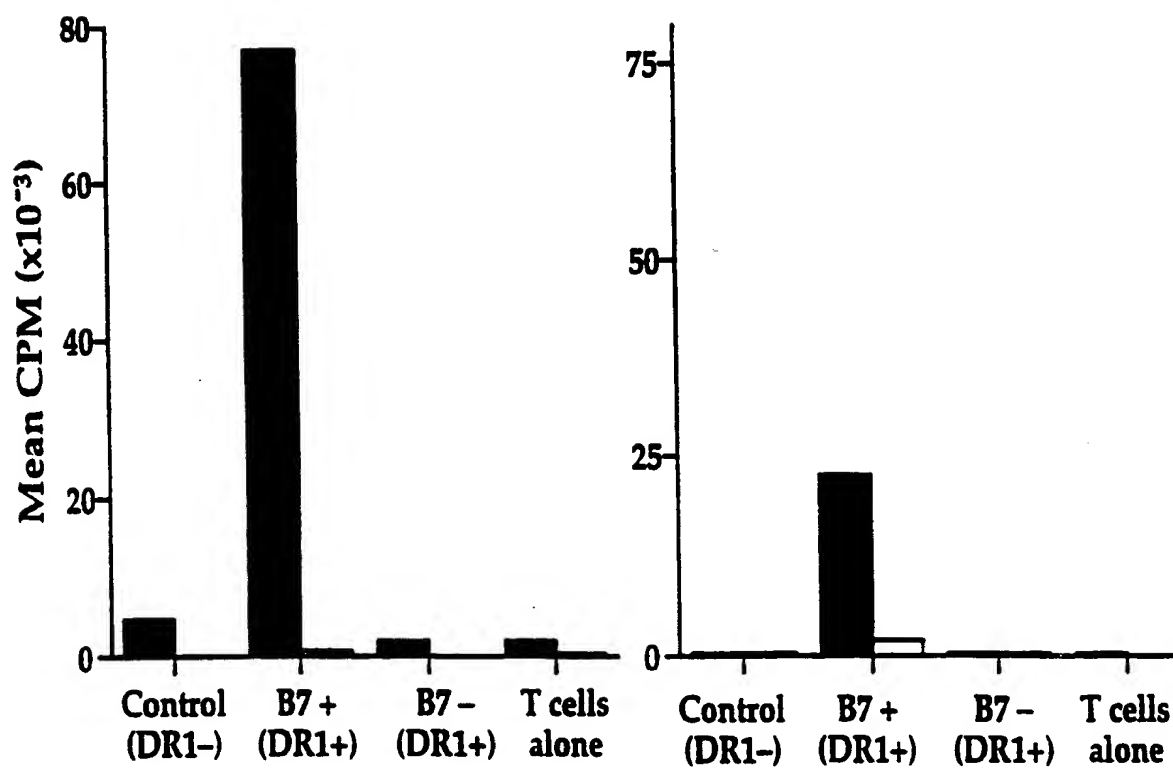
FIG. 17

B7+ IPEC

hCTLA4-Ig

mCTLA4-Ig

Mean Relative fluorescence Intensity

B7 – IPEC

hCTLA4-Ig

mCTLA4-Ig

CTLA4-Ig concentration (µg/ml)

FIG. 18

FIG. 19

FIG. 20

FIG. 21

Stimulator population